Appendix II: Alignment of instant SEQ ID NO: 1 and GenBank Accession No. XM_031289

```
BLASTN 2.2.22+
Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and
Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA
sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.


RID: SK6K2T28112


Query=  SID_1
Length=1629


                                                                    Score     E
Sequences producing significant alignments:                        (Bits)  Value

ref|XM_031289.1|  Homo sapiens similar to interleukin 8 (H. sa...  3009    0.0

ALIGNMENTS
>ref|XM_031289.1| Homo sapiens similar to interleukin 8 (H. sapiens) (LOC133094),
mRNA
Length=1630

 Score = 3009 bits (1629),  Expect = 0.0
 Identities = 1629/1629 (100%), Gaps = 0/1629 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     GCAGAGCACACAAGCTTCTAGGACAAGAGCCAGGAAGAAACCACCGGAAGGAACCATCTC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2     GCAGAGCACACAAGCTTCTAGGACAAGAGCCAGGAAGAAACCACCGGAAGGAACCATCTC  61

Query  61    ACTGTGTGTAAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCCTGATTTC  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  62    ACTGTGTGTAAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCCTGATTTC  121

Query  121   TGCAGCTCTGTGTGAAGGTGCAGTTTTGCCAAGGAGTGCTAAAGAACTTAGATGTCAGTG  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  122   TGCAGCTCTGTGTGAAGGTGCAGTTTTGCCAAGGAGTGCTAAAGAACTTAGATGTCAGTG  181

Query  181   CATAAAGACATACTCCAAACCTTTCCACCCCAAATTTATCAAAGAACTGAGAGTGATTGA  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  182   CATAAAGACATACTCCAAACCTTTCCACCCCAAATTTATCAAAGAACTGAGAGTGATTGA  241

Query  241   GAGTGGACCACACTGCGCCAACACAGAAATTATGTAAAGCTTTCTGATGGAAGAGAGCTC  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  242   GAGTGGACCACACTGCGCCAACACAGAAATTATGTAAAGCTTTCTGATGGAAGAGAGCTC  301

Query  301   TGTCTGGACCCCAAGGAAAACTGGGTGCAGAGGGTTGTGGAGAAGTTTTTGAAGAGGGCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  302   TGTCTGGACCCCAAGGAAAACTGGGTGCAGAGGGTTGTGGAGAAGTTTTTGAAGAGGGCT  361

Query  361   GAGAATTCAGAATTCATAAAAAAATTCATTCTCTGTGGTATCCAAGAATCAGTGAAGATG  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  362   GAGAATTCAGAATTCATAAAAAAATTCATTCTCTGTGGTATCCAAGAATCAGTGAAGATG  421

Query  421   CCAGTGAAACTTCAAGCAAATCTACTTCAACACTTCATGTATTGTGTGGGTCTGTTGTAG  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  422   CCAGTGAAACTTCAAGCAAATCTACTTCAACACTTCATGTATTGTGTGGGTCTGTTGTAG  481

Query  481   GGTTGCCAGATGCAATACAAGATTCCTGGTTAAATTTGAATTTCAGTAAACAATGAATAG  540
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  482   GGTTGCCAGATGCAATACAAGATTCCTGGTTAAATTTGAATTTCAGTAAACAATGAATAG  541

Query  541   TTTTTCATTGTACCATGAAATATCCAGAACATACTTATATGTAAAGTATTATTTATTTGA  600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  542   TTTTTCATTGTACCATGAAATATCCAGAACATACTTATATGTAAAGTATTATTTATTTGA  601

Query  601   ATCTACAAAAAACAACAAATAATTTTTAAATATAAGGATTTTCCTAGATATTGCACGGGA  660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  602   ATCTACAAAAAACAACAAATAATTTTTAAATATAAGGATTTTCCTAGATATTGCACGGGA  661

Query  661   GAATATACAAATAGCAAAATTGAGGCCAAGGGCCAAGAGAATATCCGAACTTTAATTTCA  720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  662   GAATATACAAATAGCAAAATTGAGGCCAAGGGCCAAGAGAATATCCGAACTTTAATTTCA  721

Query  721   GGAATTGAATGGGTTTGCTAGAATGTGATATTTGAAGCATCACATAAAAATGATGGGACA  780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  722   GGAATTGAATGGGTTTGCTAGAATGTGATATTTGAAGCATCACATAAAAATGATGGGACA  781

Query  781   ATAAATTTTGCCATAAAGTCAAATTTAGCTGGAAATCCTGGATTTTTTTCTGTTAAATCT  840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  782   ATAAATTTTGCCATAAAGTCAAATTTAGCTGGAAATCCTGGATTTTTTTCTGTTAAATCT  841

Query  841   GGCAACCCTAGTCTGCTAGCCAGGATCCACAAGTCCTTGTTCCACTGTGCCTTGGTTTCT  900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  842   GGCAACCCTAGTCTGCTAGCCAGGATCCACAAGTCCTTGTTCCACTGTGCCTTGGTTTCT  901

Query  901   CCTTTATTTCTAAGTGGAAAAAGTATTAGCCACCATCTTACCTCACAGTGATGTTGTGAG  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  902   CCTTTATTTCTAAGTGGAAAAAGTATTAGCCACCATCTTACCTCACAGTGATGTTGTGAG  961

Query  961   GACATGTGGAAGCACTTTAAGTTTTTTCATCATAACATAAATTATTTTCAAGTGTAACTT  1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  962   GACATGTGGAAGCACTTTAAGTTTTTTCATCATAACATAAATTATTTTCAAGTGTAACTT  1021

Query  1021  ATTAACCTATTTATTATTTATGTATTTATTTAAGCATCAAATATTTGTGCAAGAATTTGG  1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1022  ATTAACCTATTTATTATTTATGTATTTATTTAAGCATCAAATATTTGTGCAAGAATTTGG  1081

Query  1081  AAAAATAGAAGATGAATCATTGATTGAATAGTTATAAAGATGTTATAGTAAATTTATTTT  1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1082  AAAAATAGAAGATGAATCATTGATTGAATAGTTATAAAGATGTTATAGTAAATTTATTTT  1141

Query  1141  ATTTTAGATATTAAATGATGTTTTATTAGATAAATTTCAATCAGGGTTTTTAGATTAAAC  1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1142  ATTTTAGATATTAAATGATGTTTTATTAGATAAATTTCAATCAGGGTTTTTAGATTAAAC  1201

Query  1201  AAACAAACAATTGGGTACCCAGTTAAATTTTCATTTCAGATAAACAACAAATAATTTTTT  1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1202  AAACAAACAATTGGGTACCCAGTTAAATTTTCATTTCAGATAAACAACAAATAATTTTTT  1261

Query  1261  AGTATAAGTACATTATTGTTTATCTGAAATTTTAATTGAACTAACAATCCTAGTTTGATA  1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1262  AGTATAAGTACATTATTGTTTATCTGAAATTTTAATTGAACTAACAATCCTAGTTTGATA  1321

Query  1321  CTCCCAGTCTTGTCATTGCCAGCTGTGTTGGTAGTGCTGTGTTGAATTACGGAATAATGA  1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1322  CTCCCAGTCTTGTCATTGCCAGCTGTGTTGGTAGTGCTGTGTTGAATTACGGAATAATGA  1381

Query  1381  GTTAGAACTATTAAAACAGCCAAAACTCCACAGTCAATATTAGTAATTTCTTGCTGGTTG  1440
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1382 GTTAGAACTATTAAAACAGCCAAAACTCCACAGTCAATATTAGTAATTTCTTGCTGGTTG 1441

Query  1441 AAACTTGTTTATTATGTACAAATAGATTCTTATAATATTATTTAAATGACTGCATTTTTA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1442 AAACTTGTTTATTATGTACAAATAGATTCTTATAATATTATTTAAATGACTGCATTTTTA 1501

Query  1501 AATACAAGGCTTTATATTTTTAACTTTAAGATGTTTTTATGTGCTCTCCAAATTTTTTTT 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1502 AATACAAGGCTTTATATTTTTAACTTTAAGATGTTTTTATGTGCTCTCCAAATTTTTTTT 1561

Query  1561 ACTGTTTCTGATTGTATGGAAATATAAAAGTAAATATGAAACATTTAAAATATAATTTGT 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1562 ACTGTTTCTGATTGTATGGAAATATAAAAGTAAATATGAAACATTTAAAATATAATTTGT 1621

Query  1621 TGTCAAAGT  1629
            |||||||||
Sbjct  1622 TGTCAAAGT  1630
```